

SALÃO DE
INICIAÇÃO CIENTÍFICA
XXIX SIC
**UFRGS**
PROPESQ



múltipla 
UNIVERSIDADE
inovadora  inspiradora

Evento	Salão UFRGS 2017: SIC - XXIX SALÃO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA DA UFRGS
Ano	2017
Local	Campus do Vale
Título	ANÁLISE GENÔMICA DO PARVOVÍRUS DE FRANGOS IDENTIFICADO EM AVES AFETADAS PELA SÍNDROME DA MÁ ABSORÇÃO
Autor	DEISI MARIA PEREIRA
Orientador	PAULO MICHEL ROEHE

ANÁLISE GENÔMICA DO PARVOVÍRUS DE FRANGOS IDENTIFICADO EM AVES AFETADAS PELA SÍNDROME DA MÁ ABSORÇÃO

Autor: Deisi Maria Pereira

Universidade do Vale do Rio dos Sinos – UNISINOS

Orientador: Paulo Michel Roehe

Universidade Federal do Rio Grande do Sul - UFRGS

O parvovírus dos frangos (“*chicken parvovirus*”; ChPV, formalmente *Galliform aveparvovirus 1*, é atualmente classificado no gênero *Aveparvovirus* da família *Parvoviridae*. O ChPV é um vírus não envelopado, icosaédrico que apresenta genoma linear de DNA de fita simples. Diversos estudos têm apontado o ChPV como possível agente etiológico da síndrome da má absorção (SMA) em frangos de corte. A SMA caracteriza-se pela presença de diarreia, retardo no crescimento e desuniformidade do lote, o que acarreta importantes prejuízos para produção avícola. Entretanto, o papel exato do ChPV na etiologia da SMA requer maiores esclarecimentos, uma vez que o agente pode ser detectado tanto em aves afetadas pela doença quanto em aves saudáveis. Este estudo foi conduzido na tentativa de identificar e caracterizar o genoma completo do ChPV em frangos de corte afetados pela SMA. Amostras de fezes (n=20) foram coletadas em quatro propriedades avícolas no estado do Rio Grande do Sul. As mesmas foram diluídas em PBS, filtradas e ultracentrifugadas para concentrar a população viral. O DNA viral foi extraído, enriquecido pela técnica de amplificação por deslocamento múltiplo e submetido a sequenciamento de alto desempenho. Um total de 1.030.046 *reads* foram obtidas e montadas em *contigs* com o auxílio do programa SPAdes 3.5. O genoma completo de ChPV foi identificado e provisoriamente chamado ChPV RS/BR/2015/2. Este possui 5,265 nucleotídeos (nt), com três fases abertas de leitura (*open reading frame*, ORF), típicas dos membros do gênero *Aveparvovirus*. A primeira ORF (694 aminoácidos, 78 kDa) codifica uma proteína hipotética não estrutural, denominada NS1, a qual apresenta 99% de similaridade com a região equivalente de outra amostra sequenciada previamente (ChPV1-IPV; GenBank AMZ04136). A segunda ORF (101 aa, 11,5kDa), que codifica a nucleoproteína (NP1), apresenta identidade de 100% em nível de aminoácidos com sua equivalente no genoma do ChPV1-IPV. A terceira ORF codifica duas proteínas estruturais, VP1 (675 aa, 76,6 kDa) e VP2 (536 aa, 60,4 kDa), ambas com 99% de similaridade com a região equivalente no genoma de ChPV1-IPV. A análise filogenética baseada na sequência de nucleotídeos da região codificadora completa revela que ChPV RS/BR/2015/2 está intimamente relacionado a outros dois membros do gênero *Aveparvovirus* detectados no Sul do Brasil. Juntos, esses três genomas formam um grupo distinto de outros parvovírus de frangos e perus previamente identificados em diferentes países. Futuros estudos serão conduzidos na tentativa de investigar o potencial patogênico deste agente na espécie hospedeira.